4Б

УДК 004.932.2

Ю.М. Батько
Тернопільський національний економічний університет, м. Тернопіль, Україна
programer_tang@ukr.net

Метод і алгоритми сегментації біомедичних зображень на основі попередніх розміток

У статті розглянуто задачу автоматизованого виділення мікрооб'єктів на біомедичних зображеннях та визначення кількісних оцінок якості алгоритмів сегментації. Запропоновано метод сегментації зображень на основі попередніх розміток. Розроблено алгоритми автоматизованого виділення мікрооб'єктів на біомедичних зображеннях на основі попередніх розміток та критерій оцінювання результатів роботи алгоритмів сегментації.

Вступ

Мікроскопічне дослідження біомедичних зображень є одним з найстарших і перевірених часом методів діагностики злоякісних новоутворень [1]. Для автоматизації процесу аналізу зображень використовуються інформаційно-аналітичні системи (ІАС). ІАС – це особливий клас інформаційних систем, призначених для аналітичного оброблення даних. Проте у більшості вітчизняних біомедичних лабораторій дослідження медико-біологічних препаратів проводиться у ручному режимі. Для автоматизації процесу мікроскопії, а саме, розпізнавання і вимірювання мікрооб'єктів аналізу, застосовується підклас ІАС – системи автоматизованої мікроскопії (САМ). САМ – це апаратно-програмна система, до складу якої входять моторизований керований мікроскоп, відеокамера, комп'ютер, функціональні програми-методики [2]. В цілому використання систем автоматизованої мікроскопії дозволяє прискорити діагностику захворювань, сприяє зменшенню суб'єктивності та збільшенню якості опису біомедичних зображень.

Біомедичними зображеннями будемо називати зображення, отримані за допомогою будь-якої біомедичної техніки, що використовуються для візуального та автоматизованого аналізу у медицині та біології [2], [3].

Цитологічні зображення – це мікроскопічні зображення препаратів, що містять клітини та їхні складові частини (ядро, вакуолі і т.ін.) [1].

Гістологічні зображення – це мікроскопічні зображення препаратів тонких зрізів біологічної тканини [1].

Гістологія і цитологія відносяться до морфології людини. Сукупність прийомів для кількісної оцінки параметрів клітинних і тканинних структур на гістологічних або цитологічних препаратах (або їх зображеннях) називають морфометричними методами [1]. Шляхом використання цих методів визначають такі параметри, як, наприклад, діаметр, висоту, товщину, площу перетину, кількість мікрооб'єктів на одиниці площі, їх форму та ін.

В залежності від типу вхідних мікрооб'єктів складемо таблицю використання відповідних методів сегментації (табл. 1).

Весь процес аналізу можна розділити на такі етапи: отримання зображення (завантаження, вибір поля зору тощо) [2-10], попередня обробка (зменшення шумів, перекодування тощо) [3-7], [9-12], аналіз (сегментація) зображення [3-15] та опис (виділення характеристичних ознак) [1], [3-5], [9], [12] мікрооб'єктів.

Таблиця 1 – Класифікація мікрооб’єктів та методів їх сегментації

№ п/п	Тип зображень	Алгоритм
1	Мікрооб’єкти одного типу, що розташовані окремо	Порогова сегментація, високочастотна фільтрація
2	Мікрооб’єкти одного типу, що розташовані окремо (нечіткі границі)	Водоподіл, кластеризація
3	Мікрооб’єкти різних типів, що розташовані окремо	Порогова сегментація, кластеризація, нарощування областей
4	Мікрооб’єкти різних типів, що розташовані окремо (нечіткі границі)	Порогова сегментація, кластеризація
5	Мікрооб’єкти одного типу, що розташовані разом	Кластеризація, високочастотна фільтрація
6	Мікрооб’єкти одного типу, що розташовані разом (нечіткі границі)	Порогова сегментація, кластеризація
7	Мікрооб’єкти різних типів, що розташовані разом	Кластеризація, нарощування областей, водоподіл
8	Мікрооб’єкти різних типів, що розташовані разом (нечіткі границі)	Водоподіл, кластеризація

Одним із важливих етапів автоматизації процесу аналізу біомедичних препаратів є виділення мікрооб’єктів (сегментація біомедичного зображення) [1]. Дана задача вирішується за допомогою методів і засобів цифрового аналізу зображень [3-15]. Основною причиною складності автоматизації досліджень у гістології є висока варіабельність і слабка контрастність більшості гістологічних структур.

Одним з найбільш широко використовуваних підходів до сегментації біомедичних зображень є виділення границь мікрооб’єктів. Даний підхід використовується для зображень з чітко видимими границями мікрооб’єктів. У дану групу входять такі алгоритми, як: порогова сегментація, алгоритм активних контурів, високочастотна фільтрація тощо. Алгоритми даної групи, як правило, використовуються в сполученні з морфологічними операціями дилатації і ерозії [3], замикання і відімкнення по різним структурних елементах [3]. Вибір порогів сегментації ґрунтується на апріорній інформації про мікрооб’єкти, що виділяються, та на аналізі гістограм розподілу яскравості [3], [8], [10].

Перевагами даних алгоритмів є: висока швидкодія та простота реалізації. Недоліками – низька ефективність роботи з слабоконтрастованими зображеннями, при великій щільності (накладанні) мікрооб’єктів, при нерівномірному (слабо відмінному від мікрооб’єктів) фоні.

Іншим підходом до розв’язання задачі виділення мікрооб’єктів на біомедичних зображеннях є виділення за шаблоном форми мікрооб’єкта. Задача зводиться до пошуку частини зображення (контуру мікрооб’єкта), що найкраще відповідав би формі шуканого мікрооб’єкта. Перевагою даного підходу є можливість роботи з довільними зображеннями, для яких є множина шаблонів мікрооб’єктів, розміщених на них. Серед недоліків даного підходу є: велика кількість помилкових рішень, залежність результату роботи від точності шаблону мікрооб’єктів, висока складність і, як наслідок, низька швидкодія. Для високої точності виділення мікрооб’єктів необхідна постійна взаємодія з оператором.

Третій підхід ґрунтується на визначенні областей, що відповідають мікрооб’єктам. Серед алгоритмів даної групи є: кластеризація зображення [3], [7], [9], блокова сегментація [13], нарощування областей [3], [6], [7], розмітка зображень тощо. Виділення областей знайшло своє широке застосування в морфометричних дослідженнях, оскільки часто структура тканини є фоном і не дозволяє виділити клітину, тому що її елементи мають яскравість і рівні перепадів яскравості, що збігаються з яскравістю фону. Труднощі при виборі стартових точок сегментації (випадково, або за допомогою оператора на підставі визначеної апріорної інформації) є недоліком алгоритмів даної групи.

Відсутність спеціалізованих або недостатня ефективність існуючих методів та алгоритмів обробки біомедичних зображень сповільнює розвиток САМ. Тому розробка нових методів та алгоритмів аналізу біомедичних зображень, зокрема алгоритмів виділення мікрооб'єктів на гістологічних зображеннях, є актуальною задачею.

Метою роботи є розробка методу та алгоритмів виділення клітин на біомедичних зображеннях на основі адаптованого методу сегментації з використанням попередніх розміток.

Критерії якості сегментації зображень

У більшості практичних завдань якість сегментації розглядається як міра близькості двох зображень: сегментованого експертом та сегментованого відповідними алгоритмами. Якість сегментації зображення може визначатися як на суб'єктивному (якісному) так і на об'єктивному (кількісному) рівні.

Суб'єктивні критерії – це критерії візуального сприйняття, отримувані в процесі експертизи деякою групою експертів. Найбільшого поширення набув метод оцінок. Який дозволяє оцінити такі характеристики зображення, як правильність виділення контурів, областей, кольорів тощо [16].

Об'єктивні критерії – це критерії, що отримані внаслідок порівняння (знаходження різниці) кількісних ознак сегментованого та еталонного (сегментованого експертом) зображень. Критерії даного типу часто використовуються в системах автоматизованого аналізу зображень, для визначення кількісного еквівалента якості сегментації [6], [17].

Недоліком вищезазначених критеріїв є отримання значення якості сегментації на основі характеристичних ознак відповідних пікселів, проте без урахування зв'язків між ними. Тому для визначення якості сегментації пропонується використовувати критерій рівня зв'язності сусідніх пікселів. Даний критерій визначається за наступними формулами:

$$M_{зв}(x,y,z)=\begin{cases}1,(I_s(x_1,y_1,z_1)\in P_i(I_s)\wedge I_s(x_2,y_2,z_2)\in P_i(I_s)\wedge\\ \wedge I^*_{s_e}(x^*_1,y^*_1,z^*_1)\in P_i(I^*_{s_e})\wedge I^*_{s_e}(x^*_2,y^*_2,z^*_2)\in P_i(I^*_{s_e}));\\ 1,(I_s(x_1,y_1,z_1)\in P_i(I_s)\wedge I_s(x_2,y_2,z_2)\notin P_i(I_s)\wedge\\ \wedge I^*_{s_e}(x^*_1,y^*_1,z^*_1)\in P_i(I^*_{s_e})\wedge I^*_{s_e}(x^*_2,y^*_2,z^*_2)\notin P_i(I^*_{s_e}));\\ 0,else\end{cases}$$

$$\varepsilon_{зв}=\frac{\sum_{x=1}^{H-2}\sum_{y=1}^{W-2}\sum_{z=1}^{8}M_{зв}(x,y,z)}{8\cdot N}\cdot 100\%,$$

z – ідентифікаційний номер для сусіднього піксела;

Is – зображення, сегментоване за допомогою алгоритма сегментації;

Is_e – зображення, сегментоване експертом;

H – висота вхідного зображення;

W – ширина вхідного зображення;

N – кількість точок, що формують зображення.

Даний критерій враховує не тільки характеристичні ознаки окремих пар сусідніх пікселів чи груп пікселів, але і зв'язки між сусідніми пікселами. Тому використання даного критерію визначення якості сегментації дозволяє точніше кількісно визначити якість роботи алгоритмів сегментації.

Метод сегментації біомедичних зображень на основі методу попередніх розміток

Існуючі алгоритми сегментації мають свої переваги та недоліки, проте жоден з них не задовольняє повною мірою вимоги до якості сегментації біомедичних зображень. Тому пропонується для процесу сегментації використовувати не характеристики окремих точок зображення, а взаємозв'язки між ними [3].

Введемо позначення: I – вхідне зображення; R_{ij} – j-та однорідна область на вхідному зображенні розмічена за допомогою i-го типу розмітки;

$M_k(x, y, z), x = 1...H, y = 1...W, z = 1...8$ – масив коефіцієнтів взаємозв'язків для k-ї розмітки, z – кількість сусідніх пікселів.

M_{sum} – масив сумарних коефіцієнтів взаємозв'язків.

$$M_{sum} = \sum_{k=1}^{nl} M_k,$$

nl – кількість попередніх розміток, що використовується в процесі сегментації.

Визначення. Розміткою назвемо процес розбиття вхідного зображення I на масив однорідних областей $\{R\}$ на основі критерію однорідності KO. Критерій однорідності визначається попередньо на основі аналізу вхідного зображення I

$$I \xrightarrow{KO} \{R\}.$$

Даний підхід полягає в аналізі попередньо розміченого зображення та встановленні прив'язки точок не до певної області, а до сусідніх точок. Алгоритми попередньої розмітки можуть обиратись відносно типу вхідного зображення. Область зображення зі стабільними зв'язками буде визнаватись однорідною.

Алгоритм сегментації:

1) Проводимо розмітку вхідного зображення I за допомогою nl розміток;

2) Формуємо масив коефіцієнтів взаємозв'язків M_k між сусідніми точками для кожної з nl розміток вхідного зображення;

3) Формуємо масив сумарних коефіцієнтів взаємозв'язків M_{sum} між сусідніми точками для nl розміток вхідного зображення;

4) Проводимо групування точок вхідного зображення I в однорідні області на основі масиву сумарних коефіцієнтів зв'язків M_{sum}.

Для завершення процесу сегментації необхідно згрупувати точки вхідного зображення в однорідні області, на основі взаємозв'язків між сусідніми точками. Для цього використовуються наступні правила:

– якщо взаємозв'язок між двома сусідніми точками $I(x_1, y_1)$ та $I(x_2, y_2)$ є максимальний $M_{sum} \to \max$ для вхідного зображення, то дані точки об'єднуються в однорідну область R_i;

– якщо взаємозв'язок точки $I(x_1, y_1)$ з сусідньою точкою $I(x_2, y_2)$ більший за взаємозв'язки з іншими сусідніми точками, то такі точки об'єднуються в однорідну область R_i;

– якщо точка $I(x_1, y_1)$ має однакові зв'язки з двома (чи більше) сусідніми точками $M_{sum}(x_1, y_1, z) = M_{sum}(x_2, y_2, z) = M_{sum}(x_3, y_3, z)$, які об'єднані в однорідну область

$I(x_2, y_2) \in R_i, I(x_3, y_3) \in R_i$, то дана точка приєднується до відповідної однорідної області $I(x_1, y_1) \in R_i$;

– якщо точка $I(x_1, y_1)$ має однакові зв'язки з двома (чи більше) сусідніми точками $M_{sum}(x_1, y_1, z) = M_{sum}(x_2, y_2, z) = M_{sum}(x_3, y_3, z)$, які не належать до одної однорідної області $I(x_2, y_2) \in R_i, I(x_3, y_3) \in R_j, i \neq j$, то точка приєднується в область, до якої належить більше сусідів.

Результатом роботи алгоритму є набір однорідних областей. Оскільки об'єкти на зображенні, як правило, складаються з групи однорідних областей, то для виділення об'єктів на зображенні потрібно провести процедуру додаткового об'єднання однорідних областей.

Алгоритм сегментації біомедичних зображень на основі методу попередніх розміток

Для виділення клітин на зображенні необхідно провести процес об'єднання окремих однорідних областей. Проаналізувавши будову клітини, можна зробити наступні висновки:

– ядро клітини має овальну форму та темне, відносно всієї клітини, забарвлення;

– зміна яскравості ядра клітини відсутня або відбувається поступово;

– на границях ядра клітини спостерігається різкий перепад яскравості;

– зміна яскравості в цитоплазмі клітини відбувається поступово;

– на границях клітини також спостерігається різкий перепад яскравості, проте не такий значний, як у ядрі.

Введемо позначення:

Nec – ядро клітини.

$RNec$ – однорідна область на зображенні, що може бути визнана ядром клітини.

$Cell$ – клітина на вхідному зображенні.

$RCell$ – область зображення, що може бути визнана клітиною.

Визначення. Сусідніми областями R_1 та R_2 будемо вважати області, контури яких дотикаються, на рис. 1 контури, що дотикаються, відмічені пунктиром.

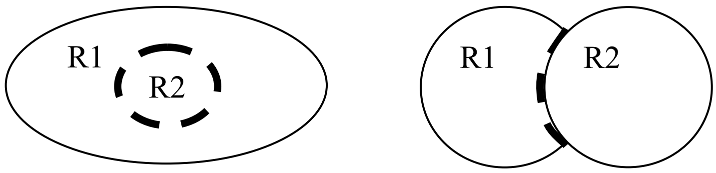


Рисунок 1 – Приклади сусідніх областей

На основі отриманої моделі клітини та масиву ядер клітин, запропоновано наступний алгоритм виділення клітин:

1) знаходимо множину однорідних областей $\{RNec\}$, які можуть відповідати ядрам клітин вхідного зображення;

2) перевіряємо всі елементи множини $\{RNec\}$ відносно критеріїв відповідності однорідних областей ядрам клітин для знаходження множини ядер клітин $\{Nec\}$;

3) приєднуємо всі сусідні однорідні області, що межують з Nec_i-м ядром, утворюючи $RCell_i$-у область клітини;

4) нарощуємо $RCell_i$ області клітини, для знаходження країв $Cell_i$-ї клітини;

5) якщо перевірено весь масив ядер клітин, то алгоритм завершує роботу, інакше перехід на етап 3 та перевірка Nec_{i+1} ядра.

Для знаходження точок, що можуть належати ядрам клітин, проводимо порогову сегментацію монохромного вхідного зображення.

$$I \xrightarrow{\text{перекодування}} I_{мон} \xrightarrow{Ib(x,y)=\begin{cases}1, Iмон(x,y)<t\\0, Iмон(x,y)\geq t\end{cases}} Ib.$$

Значення параметра яскравості порогової сегментації $t = 90$ (встановлене по замовчуванню) може корегуватись користувачем. Після операції порогової обробки отримуємо бінаризоване зображення, на якому виділено окремі однорідні групи пікселів, що можуть відповідати областям ядер клітин $\{RNec\}$. Для відсіювання хибних областей ядер клітин проводимо перевірку інформативних характеристик виділених однорідних областей: площа $A(RNec_i)$ та колоподібність $Circl(RNec_i)$:

$$0{,}9 \cdot A(R_{etal}) \leq A(RNec_i) \leq 1{,}1 \cdot A(R_{etal}),$$

де $A(R_{etal})$ – значення площі еталонної області ядра, яке визначається експертом для відповідного типу мікрооб’єктів.

$$0{,}8 \leq Circl(RNec_i) \leq 1{,}2,$$

де $Circl(RNec_i) = \dfrac{P(RNec_i)^2}{A(RNec_i)}$.

Результатом даного етапу є множина областей ядер клітин $\{RNec\}$.

Знаходження однорідних областей вхідного зображення, що відповідають областям ядрам клітин. Для цього порівнюємо множину однорідних областей $\{R\}$ та множину ядер клітин, отриманих на попередньому етапі $\{RNec\}$. Під час зіставлення є наступні випадки:

Випадок 1. Область ядра $RNec$ повністю збігається з однорідною областю $RNec = R$. В даному випадку однорідна область R визнається ядром клітини Nec.

Випадок 2. Область ядра $RNec$ повністю включається в однорідну область $R \in RNec$ та площа області ядра займає не менше 50% площі однорідної області $A(RNec) \geq 0{,}5 \cdot A(R)$. У даному випадку область ядра $RNec$ визнається неповною, а однорідна область R визнається ядром клітини Nec, приклад об’єднання наведено на рис. 2а.

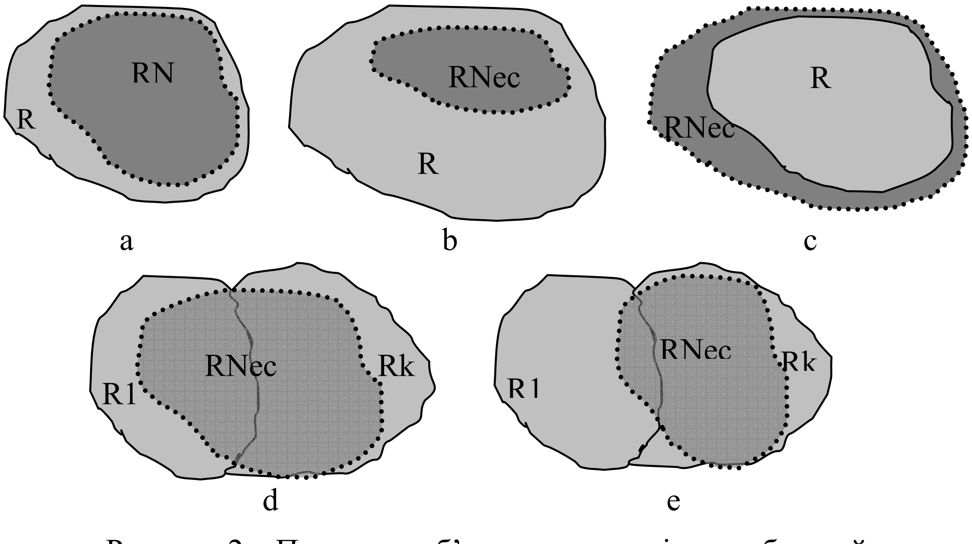


Рисунок 2 – Приклади об’єднання однорідних областей

Випадок 3. Область ядра $RNec$ повністю включається в однорідну область $R \in RNec$ та площа області ядра займає менше 50% площі однорідної області $A(RNec) < 0,5 \cdot A(R)$. У даному випадку область ядра $RNec$ визнається невірно визначеною та видаляється з подальшого розгляду, приклад об'єднання наведено на рис. 2b.

Випадок 4. Однорідна область R повністю включається в область ядра $RNec \in R$ та площа однорідної області займає не менше 90% площі області ядра $A(R) \geq 0.9 \cdot A(RNec)$. У даному випадку область ядра $RNec$, а однорідна область R визнається ядром клітини Nec, приклад об'єднання наведено на рис. 2c.

Випадок 5. Область ядра $RNec_i$ повністю включається в декілька однорідних областей $R_1 \in RNec_i, R_2 \in RNec_i, ..., R_k \in RNec_i$ та площа області ядра займає не менше 50% площ кожної з однорідних областей:

$$A(RNec_i) \geq 0.5 \cdot A(R_1), A(RNec_i) \geq 0.5 \cdot A(R_2), ..., A(RNec_i) \geq 0.5 \cdot A(R_k) .$$

У даному випадку область ядра $RNec_i$ визнається визначеною не повністю. Ядру клітини N відповідає область утворення об'єднанням однорідних областей $R_1 \cup R_2 \cup ... \cup R_k$, приклад об'єднання наведено на рис. 2d.

Випадок 6. Область ядра $RNec_i$ повністю включається в декілька однорідних областей $R_1 \in RNec_i, R_2 \in RNec_i, ..., R_k \in RNec_i$. Площа області ядра займає не менше 50% площ деякої множини з однорідних областей, а в інших площах перетину є меншою $A(RNec_i) \geq 0.5 \cdot A(R_1), A(RNec_i) \geq 0.5 \cdot A(R_2), ..., A(RNec_i) < 0.5 \cdot A(R_k)$. У даному випадку область ядра $RNec_i$ визнається визначеною некоректно. Область утворена об'єднанням однорідних областей, для яких виконується умова 50%, визнається ядром клітини N, приклад об'єднання наведено на рис. 2e.

Результатом даного етапу є масив ядер клітин $\{N\}$.

Приєднання сусідніх однорідних областей, що межують з N_i-м ядром, утворюючи $RCell_i$-у область клітини. Базуючись на апріорній інформації про те, що навколо ядра в недеформованих клітинах розміщена цитоплазма, приєднуємо всі однорідні області що є сусідніми до ядра клітини. При приєднанні однорідних областей проводиться перевірка на дві умови:

– однорідна область є сусідньою до областей, які відповідають ядру клітини;

– яскравість однорідної області є вищою за яскравість ядра, в іншому випадку дана клітина визнається деформованою і дане ядро виключається з подальшого аналізу.

Результатом роботи даного етапу є множина ядер клітин $\{RCell\}$ з частково визначеною цитоплазмою.

Для формування повної клітини проводимо нарощування $RCell_i$ області для знаходження країв $Cell_i$-ї клітини. Нарощення відбувається шляхом послідовної перевірки областей, що є сусідніми до $RCell_i$, та на основі наступних правил:

– однорідна область є сусідньою до областей, які відповідають області $RCell_i$;

– яскравість однорідної області відрізняється від яскравості граничної однорідної області $RCell_i$ не більше, ніж поріг $\Delta = 5$. Якщо різниця яскравостей більша за заданий поріг, то дана область визнається граничною, приєднується до області клітини, але виключається з подальшої перевірки на нарощування області клітини $RCell_i$.

Результатом даного етапу є масив клітин $\{Cell\}$.

Для відсіювання хибно виділених клітин проводимо додаткові дослідження масиву $\{Cell\}$ – перевірка відповідності площі клітини. Площа еталонної клітини може виз-

начатись експертом на основі апріорної інформації або шляхом аналізу масиву $\{Cell_i\}$.

$$0,9 \cdot A(Cell_{etal}) \le A(Cell_i) \le 1,1 \cdot A(Cell_{etal}),$$

де $A(R_{etal})$ – значення площі еталонної клітини, яке визначається експертом для відповідного типу мікрооб'єктів.

$$0,8 \le Circl(Cell_i) \le 1,2,$$

де $Circl(Cell_i) = \dfrac{P(Cell_i)^2}{A(Cell_i)}$

Результатом даного етапу є уточнений масив клітин $\{Cell\}$.

Тестування алгоритму

При написанні програмного засобу для проведення тестування запропонованих алгоритмів використовувалось середовище розробки програмних засобів Borland Delphi 7.0 та елементи теорії об'єктно-орієнтованого програмування. Тестування проводилось на цитологічних зображеннях багатошарового плоского незроговілого епітелію за різних видів дисплазії епітелію шийки матки у жінок репродуктивного віку (рис. 3.).

Під час тестування алгоритму сегментації кольорових зображень було проведено порівняння отриманих результатів з результатами сегментації відомими алгоритмами. Як критерій порівняння було обрано критерій рівня зв'язності сусідніх пікселів (рис. 4).

Для визначення якості алгоритму виділення мікрооб'єктів було проведено порівняння результатів роботи з результатами роботи відомих програмних засобів опису та аналізу гістологічних та цитологічних зображень. Як критерії порівняння було обрано кількість коректно виділених мікрооб'єктів та кількість коректно виділених точок. За еталонне виділення прийнято результат сегментації, зробленої експертом (рис. 5, 6).

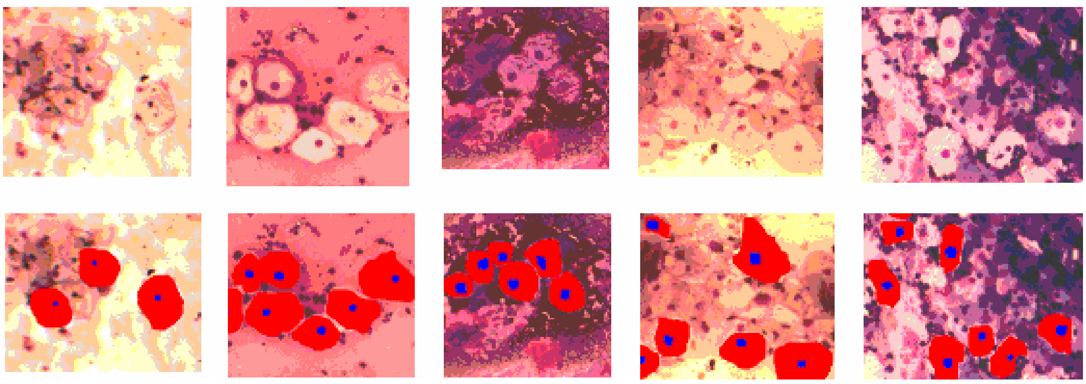


Рисунок 3 – Приклади виділення клітин на біомедичних зображеннях



Рисунок 4 – Порівняння результатів роботи алгоритмів сегментації

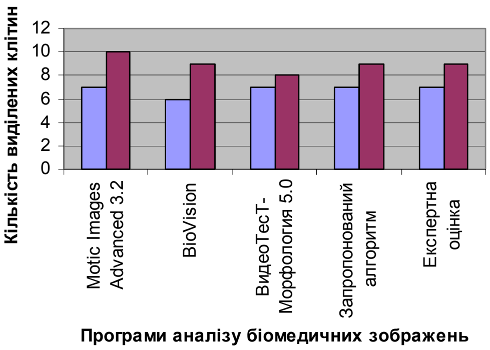


Рисунок 5 – Порівняння результатів роботи алгоритму виділення клітин з відомими програмними засобами

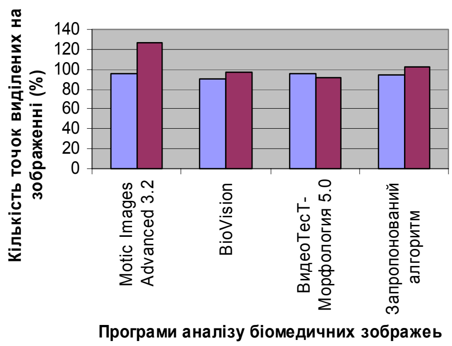


Рисунок 6 – Порівняння результатів роботи алгоритму виділення клітин з відомими програмними засобами

Дослідження проводились в рамках наукового-дослідного проекту «Інформаційно-аналітична система для дослідження та діагностування пухлинних (ракових) клітин людини на основі аналізу їх зображень», державний реєстраційний номер 0108U002109, наказ МОН України від 27.11.07 № 1044.

Висновки

Використання взаємозв'язків пікселів у деякому околі має ряд переваг в порівнянні з використанням характеристик окремих точок:

– можливість використання для зображень довільного типу;

– збільшена стійкість до сегментації зображень, мікрооб'єкти на яких знаходяться в безпосередній близькості один від одного. Кількість коректно роз'єднаних сусідніх областей більша на 15 – 20% на відміну від інших алгоритмів сегментації. Дана перевага дозволяє використовувати даний алгоритм для сегментації гістологічних зображень;

– зменшення впливу шумів та спотворень вхідного зображення на загальний результат сегментації за рахунок проведення попередньої розмітки на основі декількох критеріїв (алгоритмів сегментації);

– на 30 – 35% зменшено кількість «невизначених» точок, які знаходяться на границях областей і з однаковою вірогідністю можуть належати двом областям.

Серед недоліків:

– складність процесу сегментації більша у 1,5 – 3 рази, на відміну від аналогів;

– вплив точності попередніх розміток на результати роботи алгоритму.

Запропонований алгоритм виділення клітин на біомедичних зображеннях має ряд наступних переваг:

– поєднання інформації про форму клітини та однорідні області, розташовані на зображенні, дозволяє виділяти до 90% клітин при автоматичній сегментації біомедичного зображення;

– підвищено стійкість до впливу шумів та інших дефектів вхідного зображення. Кількість правильно виділених клітин більша на 10 – 15% відносно систем аналізу біомедичних зображень з можливістю автоматичного виділення мікрооб'єктів;

– проводиться автоматичне відсікання хибно виділених клітин. Під час додаткової перевірки на основі запропонованих критеріїв відсікається до 70% хибно виділених клітин.

До недоліків слід віднести:

– складність процесу визначення порогів для автоматичного виділення клітин.

Література

1. Автандилов Г.Г. Медицинская морфометрия. Руководство / Автандилов Г.Г. – М. : Медицина, 1990. – 384 с.
2. Егорова О.В. Компьютерная микроскопия / Егорова О.В., Клыкова Е.И., Пантелеев В.Г. – М. : Техносфера, 2005. – 300 с.
3. Батько Ю.М. Метод сегментації зображень на основі попередніх розміток зображення / Ю.М. Батько, О.М. Березький, Г.М. Мельник // Матеріали 4-ї Міжнародної науково-технічної конференції : Комп'ютерні науки та інформаційні технології 2009, (15 – 17 жовтня, 2009, Львів, Україна). – Львів, 2009. – С. 48-51.
4. William K. Pratt. Digital Image Processing: PIKS Inside, 4-th Edition / K. Pratt William. – New York : John Wiley and Sons, Inc., 2007. – 736 p.
5. Филатов К.В. Введение в цифровую обработку изображений: основы компьютерной видеографики / Филатов К.В. – Таганрог : Изд-во ТРТУ, 2002. – 89 с.
6. Гонсалес Р. Цифровая обработка изображений / Р. Гонсалес, Р. Вудс. – М. : Техносфера, 2005. – 1072 с.
7. Дуда Р. Распознавание образов и анализ сцен / Р. Дуда, П. Харт. – М. : Мир, 1976. – 511 с.
8. Сойфер В.А. Методы компьютерной обработки изображений / Сойфер В.А. – М. : Физмат, 2003. – 784 с.
9. Форсайт Д. Компьютерное зрение. Современный подход / Дэвид А. Форсайт, Джин Понс. – М. : Вильямс, 2004. – 928 с.
10. Введение в контурный анализ; приложения к обработке изображений и сигналов / [Фурман Я.А., Кревецкий А.В., Передреев А.К. и др.] ; под ред. Я.А. Фурмана. – [2-е изд., испр.]. – М. : ФИЗМАТЛИТ, 2003. – 592 с.
11. Шапиро Дж. Компьютерное зрение / Дж. Шапиро, Дж. Стокман. – М. : Бином. Лаборатория знаний, 2006. – 752 с.
12. Яне Б. Цифровая обработка изображений / Яне Б. – М. : Техносфера, 2007. – 584 с.
13. Ярославский Л.П. Введение в цифровую обработку изображений / Ярославский Л.П. – М. : Сов. радио, 1979. – 312 с.
14. Техническое зрение роботов / [Мошкин В.И., Петров А.А., Титов В.С., Якушенков Ю.Г.]. – М. : Машинное зрение, 1990. – 272 с.
15. Чен К. MATLAB в математических исследованиях / Чен К., Джиблин П., Ирвинг А. ; пер. с англ. – М. : Мир, 2001. – 346 с.
16. Глушков Г.А. Компьютерная графика / Глушков Г.А. – Харьков : Фолио, 2000. – 500 с.
17. Фисенко В.Т. Компьютерная обработка и распознавание изображений / В.Т. Фисенко, Т.Ю. Фисенко. – СПб. : СПбГУ ИТМО, 2008. – 192 с.
18. Ричардсон Я. Видеокодирование. H.264 и MPEG-4 – стандарты нового поколения / Ричардсон Я. – М. : Техносфера, 2005. – 368 с.

Ю.М. Батько

Метод и алгоритмы сегментации биомедицинских изображений на основе предварительных разметок

В статье рассматривается задача автоматизированного выделения объектов на биомедицинских изображениях и определения количественных оценок качества алгоритмов сегментации. Предлагается метод сегментации изображений на основании предварительных разметок. Разработаны алгоритмы автоматизированного выделения объектов на биомедицинских изображениях на основе предварительных разметок, а также критерий оценивания результатов работы алгоритмов сегментации.

Yu.M. Batko

Method and Algorithms of Segmentation of Biomedical Images on the Basis of Previous Labeling

In the article the problem of automated objects selection on biomedical images and determination of quantitative evaluation of segmentation algorithms quality is considered. It's proposed a method of images segmentation on the basis of previous labeling. It is developed the algorithm of the automated objects selection on biomedical images on the basis of previous labeling and also evaluation criterion of operation of segmentation algorithms.

Стаття надійшла до редакції 30.06.2010.